

# Sicherheitsforschung in der grünen Gentechnik

## 10 Millionen Euro für Projekte zu gentechnisch veränderten Pflanzen

Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) fördert die Forschung für die biologische Sicherheit gentechnisch veränderter Pflanzen in den kommenden drei Jahren mit 10 Millionen Euro. In 24 Projekten solle untersucht werden, wie sich die bei den Pflanzen gentechnisch erzeugte Widerstandsfähigkeit gegen Antibiotika und Herbizide auswirke, teilte das BMBF in Berlin mit. Die Vermittlung der Forschungsergebnisse solle in einem weiteren Projekt gefördert werden.

An den Forschungsvorhaben arbeiten Universitäten und außeruniversitäre Forschungseinrichtungen in Verbänden zusammen. Sieben Projekte beschäftigen sich mit dem Einsatz von

Antibiotika- und Herbizidresistenzgenen zur Selektion erfolgreich transformierter Pflanzen. Es sollen Methoden entwickelt werden, die Marker-gene nach der Erzeugung transgener Pflanzen wieder entfernen oder sie gezielt an bestimmten Stellen im Genom integrieren, um damit unerwünschte Nebeneffekte auszuschließen.

Ein weiteres Verbundvorhaben mit neun Teilprojekten beschäftigt sich mit transgenen Maissorten. Diese enthalten neue Bt-Gene, die eine Resistenz gegen den Maiswurzelbohrer (*Diabrotica virgifera virgifera*) bewirken. Die Larven dieses Käfers schädigen den Wurzelbereich der Maispflanzen und können dadurch erhebliche Ernteverluste verursachen. Bei einem Freilandver-

such sollen ökologische Auswirkungen des Anbaus sowie die möglichen Resistenzentwicklungen beim Maiswurzelbohrer untersucht werden.

Das BMBF fördert ferner die Erforschung der biologischen Sicherheit transgener Gehölze sowie transgenen Getreides mit erhöhter Pilzresistenz. Außerdem werden die Auswirkungen des Anbaus transgener Kartoffeln auf die Qualität landwirtschaftlich genutzter Böden untersucht. Ein weiteres Projekt entwickelt für den kontrollierten Anbau transgener Pflanzen Methoden zur Flächenauswahl und Datenerhebung.

Die Ergebnisse der Sicherheitsforschung sollen im Internet unter [www.biosicherheit.de](http://www.biosicherheit.de) veröffentlicht werden.

## Neues Softwarewerkzeug mit Zukunft

### 3. Preis des doIT Software-Awards geht an Bioinformatiker aus Tübingen

Mit JCell haben Tübinger Bioinformatiker ein Analysewerkzeug entwickelt, das die Auswertungsmöglichkeiten von experimentellen Daten erweitert. Hatten bisherige Verfahren das Ziel, Genmuster in gesunden und krankhaften Geweben zu vergleichen, lässt sich mit JCell beispielweise über die Bestimmung der Anordnung von genregulatorischen Netzen feststellen, wie die Abhängigkeiten der Gene untereinander aussehen. Die Ergebnisse solcher erweiterter Analysen sind die Grundlage für die Simulation der genetischen Prozesse und ihrer Abweichungen – damit also auch für die Möglichkeit, ihre Ursachen zu verstehen und bestenfalls geeignete Therapien zu entwickeln.

#### Gen-Netz rekonstruiert

Rund 25.000 Gene im menschlichen Körper bestimmen nicht nur individuelle Merkmale wie zum Beispiel die Augenfarbe, sondern sind auch für einen reibungslosen Ablauf der Körperfunktionen zuständig. „Dabei steuert ein Gen die Aktivitäten des anderen“, erläutert Christian Spieth. „Alle gemeinsam sind sie in ein genregulatorisches Netz eingebunden.“ Der Tübinger Bioinformatiker und seine Kollegen haben es sich zur Aufgabe gemacht, die Struktur dieses Netzes anhand von Experimentdaten, die sie von Medizinern und Biolo-

gen erhalten, zu rekonstruieren. Diese Daten geben Auskunft über den Zustand von vielen verschiedenen Genen zu unterschiedlichen Zeitpunkten. „In Zeitreihen untersuchen wir zum Beispiel den Einfluss eines Erregers auf den genetischen Ablauf im Körper“, sagt Spieth. „Hieraus können wir Regeln ableiten, wie die Abhängigkeit der Gene untereinander aussieht.“

#### Störungen erkennen und heilen

Doch nicht nur Erreger, die eine einfache Erkältung verursachen, verändern das Zusammenspiel der Gene. Das Verständnis von genetischer Regulation eröffnet gerade auch in der Diagnostik und Therapie von Krankheiten wie zum Beispiel Krebs oder Alzheimer neue Möglichkeiten. Denn ihre Ursache liegt in einem fehlerhaften Ablauf der genetischen Informationskette verborgen. Ist die Störung erst einmal erkannt, kann in einem nächsten Schritt entschieden werden, welcher Eingriff notwendig ist, um einen regelgemäßen Ablauf wiederherzustellen.

#### Die Kombination macht's

„Wir wählen mathematische Modelle aus, welche die zeitlichen Verläufe eines Experiments abbilden, sich also zeitdynamisch



Mit JCell können genetische Netzwerke erstmals simuliert und rekonstruiert werden.

genauso verhalten wie die Biologie“, erklärt Spieth. Gerade bei der Verifizierung des richtigen Modells und bei der Entwicklung von Alternativen kommt bei den Bioinformatikern die Kombination von biologischem und mathematischem Know-How zum Tragen: In JCell ist bereits vorhandenes biologisches Wissen über die Genstruktur als Grundlage eingeflossen. „Das Softwaretool ist so ausgelegt, dass es auch von Wissenschaftlern eingesetzt werden kann, die sonst mit Computertechnik nicht viel zu tun haben“, fasst Spieth die Vorgehensweise zusammen. „Wir werden das Preisgeld einsetzen, um JCell im Dialog mit Medizinern und Biologen weiterzuentwickeln.“

Das langfristige Ziel ist es, auf der Basis von biologischen Daten ein möglichst naturgetreues mathematisches Modell zu finden. Dann nämlich ließen sich beispielsweise Wirkstoffe am Computer überprüfen, ohne dass ein lebender Organismus zu Testzwecken gebraucht würde.